

Table S1. Sequence identity and similarity (%) between PfPAT and its *Plasmodium* orthologs

	<i>P. falciparum</i>	<i>P. vivax</i>	<i>P. knowlesi</i>	<i>P. yoelii</i>	<i>P. berghei</i>	<i>P. chabaudi</i>
<i>P. falciparum</i>	100 / 100	80.9 / 88.9	79.7 / 88.4	76.6 / 85.7	75.9 / 85.6	76.0 / 85.0
<i>P. vivax</i>	-	100 / 100	96.1 / 98.0	81.2 / 90.2	81.0 / 90.8	80.5 / 89.1
<i>P. knowlesi</i>	-	-	100 / 100	81.6 / 90.4	81.2 / 91.0	80.5 / 89.3
<i>P. yoelii</i>	-	-	-	100 / 100	97.2 / 98.9	94.3 / 97.6
<i>P. berghei</i>	-	-	-	-	100 / 100	94.8 / 97.4
<i>P. chabaudi</i>	-	-	-	-	-	100 / 100

Table S2. Percentage of identity and similarity of PAT apicomplexan orthologs

	% identity	% similarity	% gaps
<i>T. gondii</i> XP_002370990	42.9	61.5	15.9
<i>T. gondii</i> TGME49_036960A	29.2	45.5	20.6
<i>C. parvum</i> XP_626864	36.7	57.0	13.3
<i>C. hominis</i> XP_665995	36.2	55.6	15.0
<i>C. muris</i> XP_002141508	23.6	39.0	39.2

T. gondii: *Toxoplasma gondii*; *C. parvum*: *Cryptosporidium parvum*; *C. hominis*: *Cryptosporidium hominis*; *C. muris*: *Cryptosporidium muris*;

```

PfpAT      MAKNQYMEDRNIREPNTLLGEETEQLVDSFHYENSSSIYKKNVNSNRKNGKHSMAFHKSLAVNVVAAGLDGCDDQLLPASFRLEADLN 90
Fen2      -----MMKESKSIHQHEVERESVSSKRAIKKRLLEFKID-----LFVLSFVCLQYWINYVDRVG-----FTNAYISGMKEDLK 74
Liz1      -----MALLNRLAKTFSPYYGLNKVEQKLLIKID-----WFILSYCCVSYFINYLDRSS-----INNAVLSGMOEDLK 68
          :: . . :
          . : * : . : : * :
          . : : * : . : : * :

PfpAT      LHPSLIGYITLAOTLMLSESPITWFLSDKYSRKWMLVEGTALHGVATILLANINDFAHILFPRAINGLALGSIGPISOSLLADAAKNES 180
Fen2      MVGNDLTVSNTVFMIGYIVGMVFNMLMLCVPVRIWLSFCFFAWGLLTLGMYKVTSPKHICAIRFFQALFESCTFSGTHFVLGWSYKEDL 158
Liz1      MHGNELQDINVVFTCGYIIGQLPGSYALQRVVPARLWFSVMNLLWGLMTIFSPAVHSVRALMILRFFMAVAEASTFAGTHYILGAWYKESE 153
          : . * . . :
          . : . : . : * : * : . . : : * : . . : : * : * : . .

PfpAT      LGLSFGLVQLSSSLGRLIGGVVTTTVALKYFC--GIRGWRLCFIVVGLSVLLSIIIVALEVEDAPRQVRKKNKKMDYLDGESNTNASNNNN 268
Fen2      LPIRSAIFTGSLVGSMPGFMQTSIFTHLNGRNLGAWRWLFIIDFCITLPIAIYGFIFFPGLPDQTSAVSKFSMTR----- 248
Liz1      LCKRAGIFASGLVGTMFAGYLQTAHVHSSNLNGKGLSGWRWLFIDGILTIPLSLYGLFLFPDVPETTKAP----- 243
          * . . * . * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * :

PfpAT      NSNNNNNNNNINMNSLDNNSFTGLSHOSTRTYIILYQIVVELLKDSLSKKSIIIIILEGFTGTIPWLLSENTMFFQYCGLS-DLQAA 357
Fen2      -----YIFNEQELHYARRRLPARDESTRLDWSTI PRVLKRWHWMMFSLVWVGGEN-----LGFASNSTFALWLQNKYTLAQ 309
Liz1      -----YFTEQEKELSFKRLPARPKKPLTLKAIKIDIVRSWRIYGLCILWIFSGET-----QAIAVNVLMGQWMMKWSNKFSVAQ 297
          . . : . : * . : . : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * :

PfpAT      ITGFLIGSATGGVVGGHFGDIMHDISNKHGRPLLGOLAMFGRVPLVLLIYLVIPKRKESFELFALSCFCIGLSSITAGAVNREIVSDII 447
Fen2      RNNYPGIFAVGIIVSTLCSAVYMSKIPRARHWHVSVFISLVMVIVAVLIRADPLNPKVVFSAQYLG-----VAYAGQAVFFSWANIIC 399
Liz1      INNYPTVITAVGVVSTLGASVISDKLAGNRPWPFGLFLCVITTVSATILLAWNVPDGAFFAYFASG-----CTYAGQAVVFWANDIC 387
          . . : * : * . . : . . : . . : . . : . . : . . : . . : . . : . . : . . : . . : . . : . . : . . : . . :

PfpAT      RPDYRGTVFSLTIAIEGVGSSLIGAPLFGYLAEKIFKYQNNNLLISDMPEDIRINNAQALSKTLYLTIIPWILSFIYSLHETYG--- 534
Fen2      HADLQERAIVLASMMNMFSGAVNAWWSILFFASDMVPKFERGCYALLATAISSGIVSVVIRSLQIKENLSKKQVP-YIDANDMPGEDD--- 479
Liz1      RDNDQERGvvvFLMNMqNIWHIWWAPIMYPNTDTPRFIKGLIGLVVGGIVFVSSCIVSYMQIRDKRIKRSIQDAKDFDDVPTHEHESLE 471
          : : : . : . : . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :

PfpAT      -----KEYLKMNEIIQNEY---KYDDEDEETIPEKKMLT- 565
Fen2      -----DDDNQDNENDGDDES---MEVELHNEEMAEISNPPFR 512
Liz1      LKKIGKNDEESLNTTNAVKEISSPGLVITRQIRISMPKETAQD 514
          . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . : . :

```

Fig. S1. Alignment of PfpAT with Fen2 and Liz1. The alignment was performed using ClustalW. The predicted transmembrane segments of PfpAT are underlined and were determined using the TMHMM Server v. 2.0.

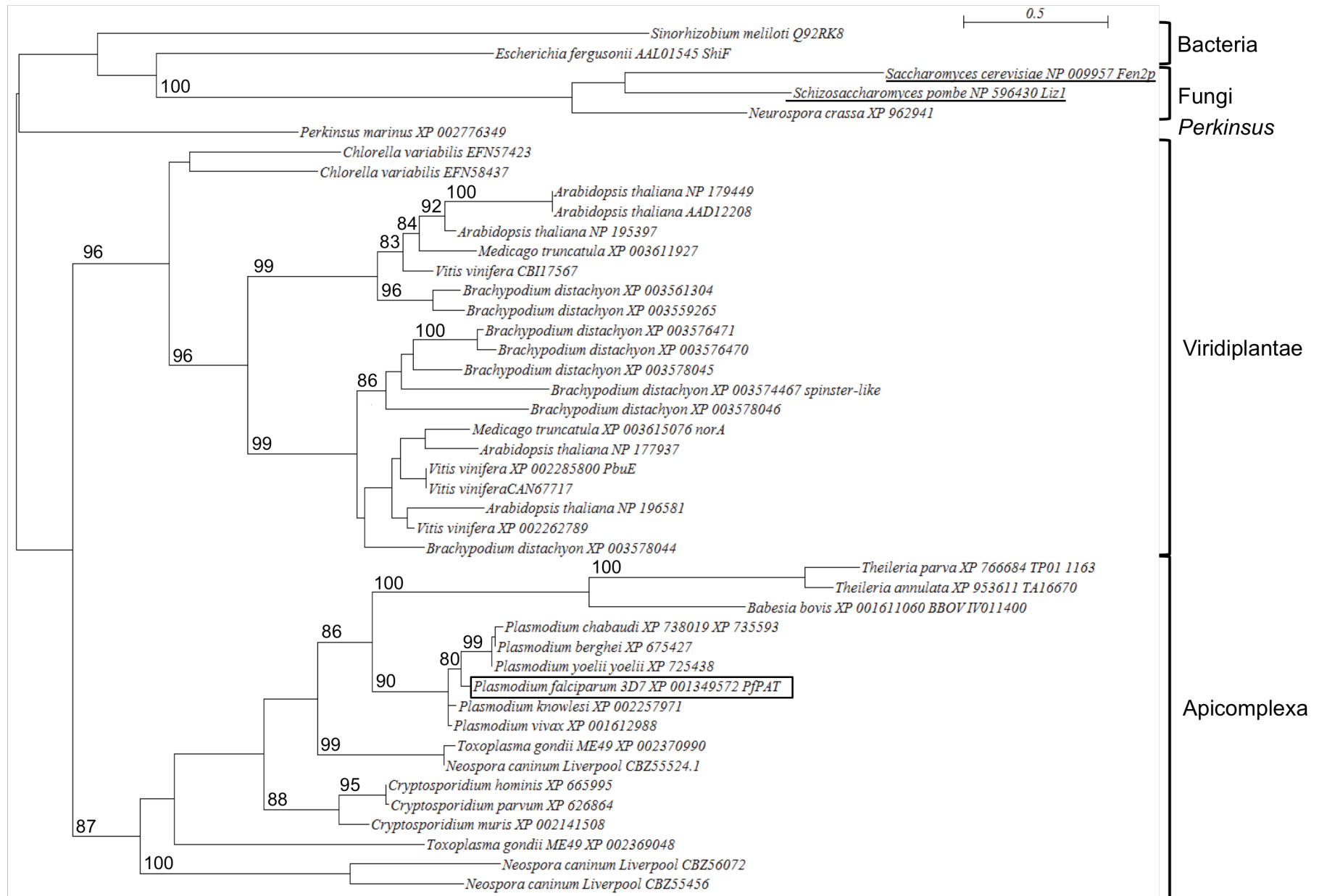


Fig. S2. Phylogenetic analysis of known panthotenate transporters and their closest homologues. Significant bootstrap value are given on top of the branch (>80%). The resulting tree has been inferred by maximum likelihood, using Phylogeny.fr “one click” option web interface without Gblock analysis (Dereeper et al. 2008).

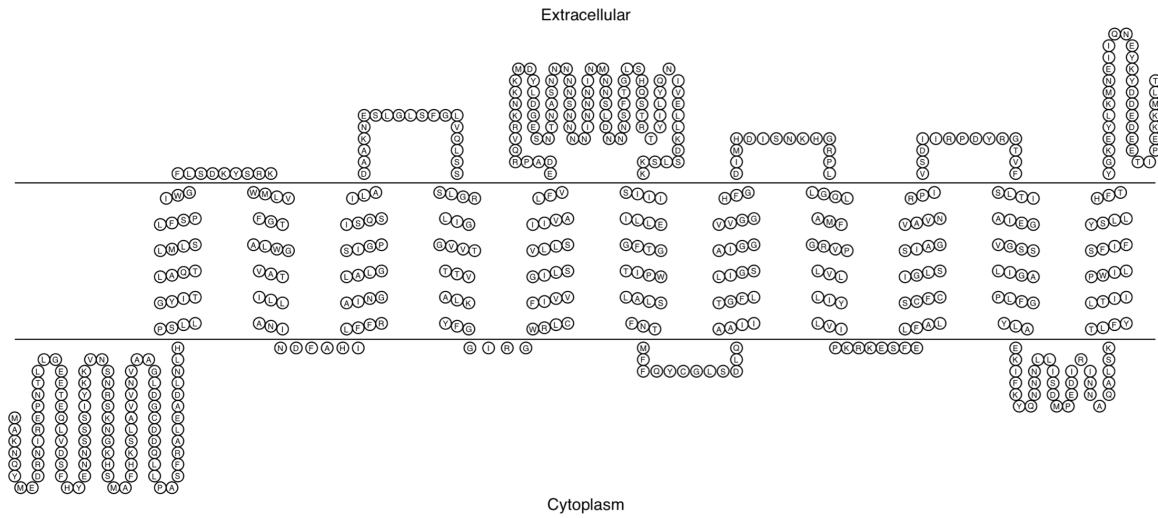


Fig. S3. Topology of PfPMT. Transmembrane segment were predicted using the TNHMM program and the topology designed using the TOPO2 program

```

hSMVT      MSVGVSTSAPLSPTSSTSGTSMSTFSIMDYVVFVLLLVLSLAIGLYHACRGWGRHTVGELL 60
PfPAT      MAKNQYMEDRNIREPNTLLGEETEQLVDSFHYE-----NNSSSYKKNV-SNRSKNGKHS 54
          *: . . . . . * : * * . : * . : . : * : . * . * :

hSMVT      MADRKMGCPLVALSLLATFQSAVAILGVPSEIYRFGTQYWFLGCCYFLGLLIPAHIFIPV 120
PfPAT      MAFHKS-----LAVVNVAAGLDGCDDQLLPAS--FRALEADLNLHPSLLGYITLAQ 103
          ** : * . . . . * . : * . : . : * . * : : * : .

hSMVT      FYRLHLTS-AYEYLELRFN-KTVRVCCTVTFIFQMVIYMGVVLYAPSLALNAVTFGFDLWL 178
PfPAT      TLMLSLFSPIWGFSLDKYSRKWMLVFGTALWGVATILLANINDFAHILFFRAING----- 158
          * * * : : * . : * * * . : . : : . : * * : * : * .

hSMVT      SVLALGIVCTVYALGGLKAVIWTDFVQTLVMEFLGQLAVIIVGSAKVGGLGRVWAVASQH 238
PfPAT      --LALGSIGPISQSI-----LADAAKNESLGLSFGLVQLSSSLGRLIGGVVTTTVALKYF 211
          **** : . : : : : : : * : * : : . : * : . . . .

hSMVT      GRISGFELDPDFVRHTFWTLAFGGVFMMLSLYGVNQAVQVQRYLSSRTEKAAVLSCYAVF 298
PfPAT      GGIRGWRLC---FIVVGILSVLLSIIIVALFVEDAPRQVRKKNKMDYLDGESNTNASNNNN 268
          * * * : * * * : : : . : . : . * : : : . : : . : .

hSMVT      PFQQVSLCVGCLIGLVMFAYYQEYPMISIQQAQAPDQFVLYFVMDLLKGLPGLPGLFIAC 358
PfPAT      NSNNNNINN---NINMNNSLDNNSFTGLSHQSTRTYILYQNIVELLKDSLSKKSIIII 324
          : : . : . * : : : : : : * : * : : * . : *

hSMVT      LFGSLSTISSAFNSLATVTMEDLIRPWFPEFSEARAIMLSRGLAFGYLLCLGMAYISS 418
PfPAT      LLEGFTGTIPWLALSFNMTMFFQ-----YCGLSDLQAAIIT-----GFLIGSAIGGV 371
          * : * * * . * : * * : : : : * : * : * : : * * * .

hSMVT      QMGFVLQAAISIFGMVGGPLLGLFCLGMFFPCANPPGAVVGLLAGLVMAFWIGIGSIVTS 478
PfPAT      VGGHFGDIMHDISNKHGRPLLGLQAMFGRVPLVLLIYLVIPKRKESFELFALSFCFCIGLS 431
          * . : . * . * * * * : : . * . * : . * : . * *

hSMVT      MGSSMPSPSNGSSFSLPTNLTVAIVTTLMPLTTFSKPTGLQRFYSLSYLWYSAHNSTTV 538
PfPAT      SIAGVAVNRPIVSDIIRPDYRGTVFSLTIAIEGVGSSSLIGAPLFGYLAEKIFKYQNNN-- 489
          : : : . . * : * . . * : . * . * * * : : : * .

hSMVT      IVVGLIVSLLTGRMRGRSLNPATIYPVLPKLLSLLPLSCQKRLHCRSYGQDHLDTGLFPE 598
PfPAT      ----LLISDMPEDIRINNAQALSKTLYLTIIPWILSFIFYSLLHFTYGKEYLK---MNE 542
          * : * : . * . : . : . : : . : : * : * : * : * . : *

hSMVT      KPRNGVLGDSRDKEAMALDGTAYQGSSTCILQETSL 635
PfPAT      IIQNEYKYDDEDEETIPEKKMLT----- 565
          : * * . . * : * : . .

```

Fig. S4. Alignment of PfPAT with the human multivitamin transporter hSMVT. The alignment was performed using ClustalW.